

**Karta przedmiotu**

|  |   |   |           |                        |  |                       |       |
|--|---|---|-----------|------------------------|--|-----------------------|-------|
| Nazwa i kod przedmiotu                   | Taksonomia molekularna organizmów morskich - ćw. laboratoryjne , PG_00204909  |   |           |                        |  |                       |       |
| Kierunek studiów                         | Oceanografia (O)  |   |           |                        |  |                       |       |
| Data rozpoczęcia studiów                 | październik 2026 r.   | Rok akademicki realizacji przedmiotu                      |           |                        | 2026/2027  |                       |       |
| Poziom kształcenia                       | II stopnia  | Grupa zajęć   |           |                        | Grupa zajęć obowiązkowych z zakresu kierunku studiów<br>Grupa zajęć fakultatywnych<br>Grupa zajęć powiązanych z prowadzonymi badaniami naukowymi w dziedzinie nauki związanej z kierunkiem - profil ogólnoakademicki |                       |       |
| Forma studiów                            | stacjonarne   | Sposób realizacji   |           |                        | na uczelni   |                       |       |
| Rok studiów                              | 1   | Język wykładowy   |           |                        | polski   |                       |       |
| Semestr studiów                          | 1   | Liczba punktów ECTS                                       |           |                        | 2.0  |                       |       |
| Profil kształcenia                       | ogólnoakademicki  | Forma zaliczenia  |           |                        | zaliczenie   |                       |       |
| Jednostka prowadząca                     | Rektor -> Wydział Oceanografii i Geografii -> Katedra Funkcjonowania Ekosystemów Morskich   |   |           |                        |  |                       |       |
| Imię i nazwisko wykładowcy (wykładowców) | Odpowiedzialny za przedmiot   | dr Filip Pniewski   |           |                        |  |                       |       |
|  | Prowadzący zajęcia z przedmiotu   |   |           |                        |  |                       |       |
| Formy zajęć                              | Forma zajęć   | Wykład  | Ćwiczenia | Laboratorium           | Projekt  | Seminarium            | RAZEM |
|  | Liczba godzin zajęć   | 0.0   | 0.0       | 30.0                   | 0.0  | 0.0                   | 30    |
|  | W tym liczba godzin zajęć na odległość: 0.0   |   |           |                        |  |                       |       |
| Aktywność studenta i liczba godzin pracy | Aktywność studenta  | Udział w zajęciach dydaktycznych, objętych planem studiów |           | Udział w konsultacjach |  | Praca własna studenta | RAZEM |
|  | Liczba godzin pracy studenta  | 30  |           | 2.0                    |  | 18.0                  | 50    |
| Cel przedmiotu                           | Przygotowanie studentów do korzystania z nowoczesnych metod molekularnych w badaniach ewolucji i taksonomii organizmów morskich. Stworzenie podstaw do krytycznego wnioskowania na temat przydatności tych metod oraz umiejętnej oceny i interpretacji uzyskanych wyników [forma zajęć: ćwiczenia laboratoryjne i audytoryjne]. |   |           |                        |  |                       |       |

|   |  |   |  |
|---|--|---|--|
| Efekty uczenia się przedmiotu   | Efekt kierunkowy   | Efekt z przedmiotu  | Sposób weryfikacji i oceny efektu        |
|   | [OCEANMU2-W04] zna i rozumie w pogłębionym stopniu najnowsze trendy badań z zakresu oceanografii a także możliwości praktycznego zastosowania powiązanych osiągnięć, ocenia ich przydatność i ograniczenia w rozwiązywaniu problemów badawczych naukowych, krytycznie je analizuje i ocenia możliwości ich zastosowania  | Zna i rozumie w pogłębionym stopniu techniki, metody badawcze oraz narzędzia (matematycznych, statystycznych, informatycznych) wykorzystywane w celu opisu ewolucji i pokrewieństwa organizmów morskich (treści programowe: 1-4)  | [SW4] test/egzamin - ustny lub pisemny   |
|   | [OCEANMU2-U03] potrafi samodzielnie zaplanować i przeprowadzić zaawansowane badania i pomiary, zarówno w terenie jak i laboratorium, z wykorzystaniem odpowiednio dobranych technik pomiarowych i analitycznych w zakresie oceanografii, adekwatnie do studiowanej specjalności i rozważanego problemu badawczego  | Potrafi samodzielnie zaplanować badania i analizy laboratoryjne w zakresie filogenetyki organizmów morskich (treści programowe: 1-4)  | [SU1] wypowiedź ustna/rozmowa/dyskusja   |
|   | [OCEANMU2-U04] potrafi w sposób analityczny i syntetyczny opracować wyniki badań i analiz oraz na ich podstawie prowadzić poprawne wnioskowanie  | Potrafi w sposób analityczny i syntetyczny opracować wyniki badań i analiz filogenetycznych oraz na ich podstawie prowadzić poprawne wnioskowanie dotyczące ewolucji i pokrewieństwa organizmów morskich (treści programowe: 1-4) | [SU2] prezentacja/projekt/referat/raport |
| [OCEANMU2-K05] jest gotów do stosowania się do zasad bezpieczeństwa i higieny pracy, dbania o powierzony mu sprzęt specjalistyczny oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia i podejmowania odpowiednich działań | Jest gotów do stosowania się do zasad bezpieczeństwa i higieny pracy w laboratorium biologii molekularnej, dbania o powierzony mu sprzęt specjalistyczny oraz rozpoznawania sytuacji zagrożenia w pracy z odczynnikami i sprzętem stosowanym w badaniach nad filogenetyką organizmów morskich (treści programowe: 1)   | [SK8] obserwacja samodzielnej lub zespołowej pracy studenta   |  |
| Treści przedmiotu   | 1. Podstawowe techniki molekularne w badaniach filogenetycznych: izolacja DNA, elektroforeza w żelu agarozowym, PCR, oczyszczanie produktów PCR<br>2. Sekwencjonowanie sekwencjonowane klasyczne, next-generation sequencing.<br>3. Zastosowanie narzędzi bioinformatycznych w badaniach filogenetycznych: przygotowanie sekwencji do analiz filogenetycznych, zapoznanie studentów z molekularnymi bazami danych, wybór sekwencji w zależności od celu zadania badawczego i przygotowanie dopasowania sekwencji, wykreślanie drzew filogenetycznych wykorzystując różne programy komputerowe, szacowanie wiarygodności otrzymanych drzew, interpretacja uzyskanych OUT, zegar molekularny.<br>4. Samodzielna rekonstrukcja filogenezy wybranej grupy organizmów wykorzystując wiedzę zdobytą w trakcie zajęć oraz porównanie uzyskanych wyników z danymi literaturowymi |   |  |
| Wymagania wstępne i dodatkowe   |  |   |  |
| Sposoby i kryteria oceniania osiągniętych efektów uczenia się   | Sposób oceniania (składowe)  | Próg zaliczeniowy   | Składowa oceny końcowej                  |
|   | kolokwium (3x, 25 min)   | 51.0%   | 75.0%                                    |
|   | raport pisemny   | 51.0%   | 15.0%                                    |
|   | obserwacja samodzielnej pracy studenta   | 51.0%   | 10.0%                                    |

|   |                            |  |
|---|----------------------------|--|
| Zalecana lista lektur   | Podstawowa lista lektur    | <p>1. Brodie J., Lewis J. 2007. Unravelling the algae. The past, present, and future of algal systematics. The Systematics Association special Volume Series 75. CRC Press. Boca Raton.</p> <p>2. Hall B.G. 2008. Łatwe drzewa filogenetyczne. Poradnik użytkownika. Wydawnictwo Uniwersytetu Warszawskiego. Warszawa.</p> <p>3. Higgs P.G., Attwood T.K. 2008. Bioinformatyka i ewolucja molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p> <p>4. Jura C. 1997. Bezkręgowce. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p> <p>5. Krawczyk B., Kur J. 2008. Diagnostyka molekularna w mikrobiologii. Wydawnictwo Politechniki Gdańskiej. Gdańsk.</p> <p>6. Nowak Z., Gruszczyńska J. 2007. Wybrane techniki i metody analizy DNA. Wydawnictwo SGGW. Warszawa.</p> <p>7. Szweykowska A., Szweykowski J. 2005. Botanika. Systematyka. Tom 2. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p> <p>8. Weiner J. 1999. Życie i ewolucja biosfery. Podręcznik ekologii ogólnej. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p> <p>8. Węgleński P. (red.). 2003. Genetyka molekularna. Wydawnictwo Naukowe PWN. Warszawa.</p> |
|   | Uzupełniająca lista lektur | <p>1. Ansorge J.W. 2009. Next-generation DNA sequencing techniques. New Biotechnology. 25(4): 195-203.</p> <p>2. Kircher M., Kelso J. 2010. High-throughput DNA sequencing concepts and limitations. Bioessays. 32: 524-536.</p> <p>3. Spalik K., Piwczyński M. 2009. Rekonstrukcja filogenezy i wnioskowanie filogenetyczne w badaniach ewolucyjnych. Kosmos. Problemy nauk biologicznych. 58(3-4): 485-498.</p>  |
|   | Adresy eZasobów            |  |
| Przykładowe zagadnienia/<br>przykładowe pytania/<br>realizowane zadania |                            |  |
| Praktyki zawodowe<br>w ramach przedmiotu                                | Nie dotyczy                |  |

Dokument wygenerowany elektronicznie. Nie wymaga pieczęci ani podpisu.